СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РЕДЬКИ С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ И ЗНАЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ

Таджибоева Дилафруз Бахромжон кизи

выпускница магистратуры Андижанского института сельского хозяйства и агротехнологий.

Камилов Муроджон Мукимжонович

заместитель директора

Андижанская научно-опытная станция Научно-исследовательского института овоще-бахчевых культур и картофеля, доктор философии по сельскохозяйственным наукам (PhD).

Аннотация: В статье проанализированы зарубежные и отечественные исследования 2009–2025 гг. по изучению генетических ресурсов редьки (Raphanus sativus L.) с помощью молекулярных маркеров, прежде всего SSR. Показано, что для редьки сформирована система геномных и EST-SSR маркеров с высоким полиморфизмом, пригодная для генетического картирования и идентификации сортов. Анализ мировых коллекций подтверждает несколько независимых центров одомашнивания и деление редьки на географические группы. Образцы из Центральной Азии отличаются наибольшей ожидаемой гетерозиготностью и большим числом частных аллелей, однако местные формы редьки Ферганской долины молекулярно-генетически системно не изучены. Обоснована необходимость совместной оценки местного генофонда по морфологическим признакам и SSR-маркерам.

Ключевые слова: редька, Raphanus sativus, генетические ресурсы, SSR-маркеры, генетическое разнообразие, Центральная Азия, местные сорта, селекция.

Abstract: This review analyses foreign and Uzbek studies published in 2009–2025 on radish (Raphanus sativus L.) genetic resources assessed with molecular markers, mainly SSRs. A set of genomic and EST-derived SSR markers has been established for radish and shows high polymorphism for genetic mapping and cultivar identification. Analyses of

world collections confirm several domestication events and a clear geographic structure. Central Asian accessions show the highest expected heterozygosity and many private alleles, yet local radish forms of the Fergana Valley have not been studied systematically at the molecular level. The need for a joint morphological and SSR-based evaluation of the local gene pool is substantiated.

Keywords: radish, Raphanus sativus, genetic resources, SSR markers, genetic diversity, Central Asia, landraces, breeding.

Введение

Редька (*Raphanus sativus* L., 2n = 18) относится к семейству капустные (Brassicaceae) и возделывается как овощная культура во многих странах мира. В Европе и США распространена преимущественно мелкоплодная редиска, в Восточной Азии — крупная и длинная редька, а в Южной и Юго-Восточной Азии — формы, у которых в пищу используют незрелые стручки [7].

Овощеводство является одной из ведущих отраслей сельского хозяйства Узбекистана: в 2023 г. в республике произведено 11,55 млн т овощей, в том числе 1,77 млн т в Андижанской области [18]. При этом более 80% площадей под овощами занимают всего 10 культур, что свидетельствует об ограниченном разнообразии возделываемых культур [1]. В Ферганской долине издавна выращивают местные формы редьки типа «Маргеланская», отдельные образцы которых хранятся и в зарубежных генбанках [19, 20].

Стратегией развития сельского хозяйства Республики Узбекистан на 2020–2030 годы, утверждённой Указом Президента Республики Узбекистан от 23 октября 2019 г. № УП-5853, предусмотрены создание Национального генного банка и обновление материально-технической базы научно-исследовательских институтов в области семеноводства [17]. Для сохранения местного генофонда и его использования в селекции прежде всего необходима оценка его генетического разнообразия.

Цель статьи — проанализировать зарубежные и отечественные исследования генетических ресурсов редьки с помощью молекулярных маркеров и обосновать

значение генофонда Центральной Азии, в частности Ферганской долины, для селекции.

Материал и методы

Для анализа отобраны научные статьи, опубликованные в 2009–2025 гг., из баз PubMed Central, J-STAGE, SpringerLink, MDPI и AGRIS. Сведения о местных образцах получены из паспортных баз генбанков Genesys и GLIS, нормативные документы — с портала lex.uz, статистические данные — с сайта Национального комитета по статистике.

В анализ включены работы по изучению генетического разнообразия редьки с помощью молекулярных маркеров, а также исследования редьки, выполненные в Узбекистане. Работы сравнивали по числу образцов, типу и числу маркеров, числу выявленных аллелей, информационному индексу полиморфизма (PIC) и основному выводу.

Результаты и обсуждение

Формирование системы SSR-маркеров у редьки. Первый крупный набор SSR-маркеров для редьки создан на основе EST-последовательностей. Shirasawa и соавт. разработали 3800 SSR-маркеров по 26 606 EST и разместили 630 полиморфных SSR-локусов вместе с 213 ранее известными локусами на 9 группах сцепления редьки; карта охватывает 1129,2 cM при среднем расстоянии между локусами 1,3 cM [10]. Jiang и соавт. на основе кДНК-библиотеки корнеплода разработали 125 пар праймеров, 88% из которых дали чёткие продукты; для 28 маркеров, испытанных на 32 генотипах, число аллелей на локус составило 2–7 (в среднем 3,5), PIC — 0–0,825 (в среднем 0,500), а 64,2% маркеров оказались переносимыми на другие капустные [4]. Wang и соавт., проанализировав 93 образца с помощью EST-SSR маркеров, показали чёткое обособление культурной редьки от дикорастущих видов [11]. Bae и соавт. испытали геномные SSR-маркеры на 144 сортах и отобрали 27 маркеров: число аллелей на локус составило 2–18 (в среднем 7,77), PIC — 0,491–0,906, при этом были различены все крупноплодные сорта [3].

Таким образом, геномные SSR-маркеры редьки дают более высокий полиморфизм, чем EST-SSR, тогда как EST-SSR маркеры имеют преимущество в точности положения на генетической карте.

Генетическая структура мировых коллекций. Yamane и соавт. по хлоропластным SSR-локусам (cpSSR) выявили 20 гаплотипов у 82 образцов и показали, что культурная редька была одомашнена по меньшей мере трижды независимо [13]. Kobayashi и соавт. методом ddRAD-Seq выявили 52 559 SNP у 520 образцов; культурная редька разделилась на четыре географические группы — Японии, Восточной Азии, Южной и Юго-Восточной Азии, а также Запада и Ближнего Востока [7]. Li и соавт., проанализировав 939 образцов по 38 SSR-локусам методом SSR-секвенирования, установили, что европейская дикая редька обособлена от культурных форм и отличается более высоким разнообразием [9]. Lee и соавт. выделили из коллекции в 886 образцов стержневую коллекцию из 125 образцов, в которой сохранились все 70 аллелей [8].

Таблица 1.

Основные исследования генетического разнообразия редьки с помощью молекулярных маркеров

Исследование	Число образцов	Тип маркеров	Основной результат
Yamane и соавт., 2009	82	25 cpSSR-локусов	20 гаплотипов; не менее 3 центров одомашнивания
Shirasawa и соавт., 2011	картирующая популяция	3800 EST-SSR	630 полиморфных локусов, 9 групп сцепления
Jiang и соавт., 2012	32	28 EST-SSR	в среднем 3,5 аллеля, PIC 0,500
Bae и соавт., 2015	144	27 геномных SSR	в среднем 7,77 аллеля, PIC 0,491–0,906
Lee и соавт., 2018	886 → 125	25 InDel	стержневая коллекция, сохранены 70 аллелей
Kobayashi и соавт., 2020	520	52 559 SNP	4 географические группы
Li и соавт., 2021	939	38 SSR	европейская дикая редька — отдельная группа
Коллекция USDA, 2021	152	GBS (SNP)	Центральная Азия: наибольшая He, много частных аллелей

Генофонд Центральной Азии. В перечисленных крупных исследованиях образцы из Центральной Азии как отдельная группа изучены слабо. При GBS-анализе 152 образцов из коллекции генбанка США 77,49% генетической изменчивости приходилось на внутриобразцовую и лишь 6,51% — на межрегиональную; регион Центральной Азии выделялся наибольшей ожидаемой гетерозиготностью и большим числом частных аллелей относительно числа образцов, а один образец из Узбекистана резко отличался от общей структуры [15]. В этом же исследовании SNP с наиболее сильными сигналами отбора оказались связаны с локусом восстановления фертильности на 9-й хромосоме, который используется в семеноводстве гибридов F_1 [15].

Местные образцы редьки из Узбекистана и соседних территорий хранятся в зарубежных генбанках: в генбанке IPK (Гатерслебен) — местный сорт «Маргеланская редька», собранный в 1995 г. на Алайском базаре Ташкента; во Всемирном центре овощеводства (WorldVeg) — образец из Узбекистана, поступивший в 2005 г.; в генбанке CGN (Нидерланды) — образец зимней редьки, собранный в 1999 г. на рынке Ош [19–21]. Однако число таких образцов невелико, и они не отражают разнообразия различных районов Ферганской долины.

Отечественные исследования посвящены в основном агротехнике и качеству продукции. Khusanov и соавт. установили, что оптимальная температура прорастания семян дайкона составляет 20–30 °C, а при летнем повторном посеве среднесуточная температура не должна превышать 30 °C [6]. Askarov и Atakulova изучили минеральный, витаминный и полифенольный состав листьев сорта «Андижан-9» [2]. Сведений об оценке местных образцов редьки с помощью молекулярных маркеров в проанализированных источниках не обнаружено.

Значение для селекции и перспективы. Благодаря кодоминантности, воспроизводимости и низкой стоимости SSR-маркеры являются удобным инструментом для оценки разнообразия местных популяций и подбора родительских пар. Их совместное применение с морфологическими признаками руководства UPOV TG/63/7–TG/64/7 позволяет выявить связь между фенотипом и генотипом [16]. В

перспективе важным направлением станет применение на местном материале маркер-ориентированного отбора по генам *FLC*, связанным с поздним стрелкованием [12, 14], и по QTL устойчивости к киле [5].

Выводы

1. Для редьки сформирован набор геномных и EST-SSR маркеров, обеспечивающих высокий полиморфизм (PIC 0,49–0,91) при генетическом картировании и различении сортов. Это показывает, что SSR-маркеры являются надёжным и недорогим инструментом оценки местного генофонда.

2. Анализ мировых коллекций установил не менее трёх независимых центров одомашнивания культурной редьки и её деление на четыре крупные географические группы. Поскольку генофонды регионов различаются, наблюдается необходимость их раздельного изучения.

3. Образцы из Центральной Азии обладают наибольшей ожидаемой гетерозиготностью и многочисленными частными аллелями, однако местные формы редьки Ферганской долины молекулярно-генетически системно не изучены. Это обосновывает научную актуальность изучения генофонда региона.

4. Рекомендуется сбор местных образцов редьки и их совместная оценка по признакам UPOV и SSR-маркерам. Такой подход обеспечивает подбор генетически отдалённых родительских пар для селекции и сохранение местного генофонда в Национальном генном банке.

Список литературы

1. Amanova M., Yakubova D., Yakubov Yu. Selection of kolrabi cabbage varieties and samples for the central zone of Uzbekistan // E3S Web of Conferences. – 2023. – Vol. 389. – 03074.

2. Askarov I., Atakulova N. Assessment of the eco-biochemical composition of Raphanus sativus L. leaves grown in Uzbekistan // BIO Web of Conferences. – 2025. – Vol. 194. – 01038.

3. Bae K.-M., Sim S.-C., Hong J.-H., Choi K.-J., Kim D.-H., Kwon Y.-S. Development of genomic SSR markers and genetic diversity analysis in cultivated radish (Raphanus sativus L.) // Horticulture, Environment, and Biotechnology. – 2015. – DOI: 10.1007/s13580-015-0089-y.

4. Jiang L., Wang L., Liu L., Zhu X., Zhai L., Gong Y. Development and characterization of cDNA library based novel EST-SSR marker in radish (Raphanus sativus L.) // [название журнала уточняется]. – 2012.

5. Kamei A., Tsuro M., Kubo N. et al. QTL mapping of clubroot resistance in radish (Raphanus sativus L.) // Theoretical and Applied Genetics. – 2010. – Vol. 120. – P. 1021–1027.

6. Khusanov N., Boboyev S., Razzakova Sh., Norkobilova Sh., Juliyev M., Turabayev A. Raphanus sativus L. and its determination of planting dates based on seed germination in different ecological environments of Uzbekistan // E3S Web of Conferences. – 2024. – Vol. 497. – 03029.

7. Kobayashi H., Shirasawa K., Fukino N., Hirakawa H., Akanuma T., Kitashiba H. Identification of genome-wide single-nucleotide polymorphisms among geographically diverse radish accessions // DNA Research. – 2020. – Vol. 27, No. 1. – dsaa001.

8. Lee Y.J., Mun J.H., Jeong Y.M., Joo S.H., Yu H.J. Assembly of a radish core collection for evaluation and preservation of genetic diversity // Horticulture, Environment, and Biotechnology. – 2018. – Vol. 59, No. 5. – P. 711–721.

9. Li X., Wang J. et al. SSR-sequencing reveals the inter- and intraspecific genetic variation and phylogenetic relationships among an extensive collection of radish (Raphanus) germplasm resources // Biology. – 2021. – Vol. 10, No. 12. – 1250.

10. Shirasawa K. et al. An EST-SSR linkage map of Raphanus sativus and comparative genomics of the Brassicaceae // DNA Research. – 2011. – Vol. 18, No. 4. – P. 221–232.

11. Wang Q., Zhang L., Zheng P. Genetic diversity and evolutionary relationship analyses within and among Raphanus species using EST-SSR markers // Molecular Breeding. – 2015. – Vol. 35. – 62.

12. Wang Q., Zhang Y., Zhang L. A naturally occurring insertion in the RsFLC2 gene associated with late-bolting trait in radish (Raphanus sativus L.) // Molecular Breeding. – 2018. – Vol. 38. – 137.

13. Yamane K., Lü N., Ohnishi O. Multiple origins and high genetic diversity of cultivated radish inferred from polymorphism in chloroplast simple sequence repeats // Breeding Science. – 2009. – Vol. 59, No. 1. – P. 55–65.

14. Yi G., Park H., Kim J.S., Chae W.B., Park S., Huh J.H. Identification of three FLOWERING LOCUS C genes responsible for vernalization response in radish (Raphanus sativus L.) // Horticulture, Environment, and Biotechnology. – 2014. – Vol. 55. – P. 548–556.

15. [Авторы уточняются]. Radish geographical core set genotyped by sequencing // Genetic Resources and Crop Evolution. – 2021. – DOI: 10.1007/s10722-021-01212-6.

16. UPOV. TG/63/7–TG/64/7 Rev. 2. Radish; Black Radish: Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability. – Geneva, 2012 (ред. 2023 г.).

17. Указ Президента Республики Узбекистан от 23.10.2019 г. № УП-5853 «Об утверждении Стратегии развития сельского хозяйства Республики Узбекистан на 2020–2030 годы». – lex.uz.

18. Национальный комитет Республики Узбекистан по статистике. Производство овощей во всех категориях хозяйств, 2010–2023 гг. – 2024.

19. Genesys PGR. Паспорт образца RA 768 «Margalanskaja red’ka» (IPK, Германия). – DOI: 10.25642/IPK/GBIS/72043.

20. Genesys PGR. Паспорт образца VI056358 (WorldVeg, Тайвань). – DOI: 10.18730/1316TC.

21. CGN Germplasm. Паспорт образца CGN22063 (рынок Оша, 1999). – cgngenis.wur.nl.